

METODE UNTUK MENENTUKAN JENIS FAKTOR TRANSKRIPSI (FT) PADA GEN PENYANDI ENZIM β -AMYRIN SYNTHASE BERBASIS KAJIAN IN SILICO: STUDI KASUS PADA TANAMAN MODEL

By Agus Muji Santoso

**METODE UNTUK MENENTUKAN JENIS FAKTOR TRANSKRIPSI (FT) PADA
GEN PENYANDI ENZIM β -AMYRIN SYNTHASE BERBASIS KAJIAN IN
SILICO: STUDI KASUS PADA TANAMAN MODEL**

**Method For Determining Transcription Factors (TFs) Of Gene β -AMYRIN Synthase
Encoded Using In Silico Approach: A Case Study In Plant Model**

*Agus Muji Santoso^{1,2}, Mohamad Amin¹, Sutiman B. Sumitro³, Betty Lukiaty¹

¹ Biology Education, Malang State University, Indonesia

² Biology Education, University of Nusantara PGRI Kediri, Indonesia

³ Biology Department, Brawijaya University, Malang, Indonesia

* Corresponding author (email: agusmujisantoso@unpkediri.ac.id)

Abstrak

Saponin termasuk senyawa obat yang dikendalikan produksinya oleh beberapa gen kunci, termasuk gen β -AS. Salah satu tahapan penting yang dapat dilakukan dalam rekayasa hayati untuk memacu produksi saponin tanaman adalah menentukan jenis FT pada gen kunci. Metode in vitro dan in vivo tidak dapat digunakan secara langsung untuk menentukan jenis FT yang mengendalikan gen target karena tidak efisien dan efektif. Oleh karena itu, penentuan awal jenis FT berbasis kajian in silico perlu dilakukan. Makalah ini bertujuan mendeskripsikan beberapa tahapan yang dapat dilakukan untuk menentukan jenis FT gen β -AS. Penelitian ini berjenis studi kasus hasil eksploasi data base tanaman model *A. thaliana*. Penelitian ini mengungkapkan ada 4 tahapan utama yaitu menentukan sekuen gen β -AS dan arah transkripsinya, menentukan sekuen promotor dari sekuen CDS, menelusur jenis FT dengan program *tfbind* dan menentukan FT dengan nilai interaksi tertinggi, memetakan FT terpilih dengan data base pada *PlantFTDB*. Jenis FT yang diperoleh dapat digunakan sebagai dasar untuk menentukan metode dan teknik laboratorium untuk kepentingan selanjutnya.

Kata kunci: faktor transkripsi, beta amyirin synthase, in silico.

Abstract

Saponins is one of medical compound which synthesized by several key genes in plants, including β -AS. First step to enhance of plant secondary metabolites was by determining of TFs which controlled target genes. in vitro and in vivo approach cannot be used directly to determine the kinds of the TFs which controls the target gene because both of approach above were inefficient and ineffective. Therefore, the initial determination of the type TFs-based in silico studies need to be done. This paper aims to describe the steps that can be done to determine the type of the TFs gene β -AS in *A. thaliana* as a model plant using in silico approach. This study reveals that there were four main stages i.e. determining β -AS gene sequence and direction of transcription, determine the sequence of the promoter from start CDS, determine of TFs by using *tfbind* and look for the FTs which have highest interaction score, mapping of selected TFs by using *PlantFTDB*. The kinds of acquired TFs can be used as a information base to determine of the next method and laboratories technique.

Key words: transcription factor, beta amyirin synthase, in silico.

PENDAHULUAN

Faktor transkripsi memiliki peran penting dalam proses transkripsi gen target (Irawan, 2012). Faktor transkripsi dapat berinteraksi dengan sekuen promotor gen target dengan cara melekat pada sekuen dengan pola tertentu (Reddy *et al.*, 2010) dengan

mengenali pola sekuen promotor (Huang *et al.*, 2012). Contohnya, *GATA* cenderung berinteraksi dengan sekuen promotor yang memiliki pola sekuen TGATAAGAAA. Selain itu, *GATA* juga dapat mengenali sekuen promotor yang berpola GTGATAAGA (Santoso *et al.*, 2016). Pola unik sekuen promotor dapat dikenali secara spesifik pula oleh faktor transkripsi. Adanya interaksi antara beberapa jenis faktor transkripsi secara bersamaan pada sekuen promotor gen target menyebabkan RNA polimerase menempel dan melakukan kerjanya.

Beberapa penelitian bidang rekayasa hayati telah membuktikan bahwa informasi berupa jenis faktor transkripsi yang terlibat dalam transkripsi gen target perlu diungkap. Kim dan Kim (2006) melaporkan bahwa faktor transkripsi *At-NIG1* merupakan faktor transkripsi kunci yang terlibat dalam respon toleran cekaman salinitas tinggi pada tanaman. Luo *et al.* (2011) juga melaporkan bahwa terdapat lebih dari 17 jenis faktor transkripsi yang terlibat dalam biosintesis saponin pada *Panax notoginseng*. Namun, jenis *MYB* merupakan faktor transkripsi yang paling berperan dalam proses biosintesis saponin tersebut. Penelitian serupa juga diungkapkan oleh Nasrollahi *et al.* (2014) bahwa biosintesis saponin ada tanaman *Glycyrrhiza glabra* dikendalikan oleh beberapa gen kunci dan jenis-jenis faktor transkripsi tertentu. Oleh karena itu, dalam bidang rekayasa hayati tanaman penentuan jenis faktor transkripsi penting dilakukan.

Eksplorasi jenis faktor transkripsi secara langsung dengan pendekatan *in vitro* maupun *in vivo* sangat sulit dilakukan. Khususnya bagi tanaman-tanaman/ organisme lainnya yang belum memiliki informasi data genomik, proteomik, dan transkriptomik yang lengkap dari penelitian sebelumnya. Selain itu, menurut Santoso *et al.* (2016) apabila pendekatan *in vitro* maupun *in vivo* dilakukan secara langsung akan bersifat kurang efektif dan efisien. Optimasi metode isolasi akan memerlukan bahan-bahan kimia yang lebih banyak, waktu dan tenaga yang lebih besar pula. Oleh karena itu, diperlukan pendekatan lain yang bersifat prediktif untuk mengetahui jenis faktor transkripsi suatu gen target.

Pada konteks ini kajian *in silico* dapat dilakukan sebagai kajian awal karena bersifat prediktif (Palson, 2000), walaupun kajian *in silico* juga dapat berperan sebagai pendukung temuan karena bersifat pemodelan kasus interaksi antar molekul (Lerman *et al.*, 2012). Kajian awal untuk memprediksi jenis faktor transkripsi yang bertanggung jawab terhadap proses transkripsi gen target. Kajian *in silico* bekerja berdasarkan prinsip matematika komputasi. Kajian *in silico* dapat memberikan beberapa alternatif kepada peneliti agar dapat fokus pada aspek-aspek yang akan dikerjakan pada penelitian di laboratorium. Melalui kajian *in silico* tersebut, dapat membantu peneliti agar tahapan penelitian dapat berlangsung secara lebih efektif dan efisien.

Penggunaan tanaman model *Arabidopsis thaliana* pada penelitian ini didasarkan pada pertimbangan ketersediaan data base. Tanaman model tersebut telah berhasil diketahui data base *whole genom*-nya. Termasuk data base gen yang bertanggung jawab pada biosintesis saponin. Eksplorasi metode untuk menentukan jenis faktor transkripsi gen yang bertanggung jawab dalam biosintesis saponin secara *in silico* dengan menggunakan tanaman model diharapkan dapat memberikan informasi teknis dalam penelitian serupa. Khususnya penelitian yang bertujuan untuk memacu produksi senyawa saponin dari tanaman lokal/ endemik yang belum diketahui atau belum tersedia data basenya baik genomik, proteomik, dan transkriptomik.

Oleh karena itu, identifikasi faktor transkripsi berbasis kajian *in silico* untuk kepentingan rekayasa hayati khususnya untuk memacu kerja beberapa gen kunci yang terlibat dalam sebuah metabolisme perlu diungkap untuk kebutuhan analisis selanjutnya. Sampai saat ini,

METODE PENELITIAN

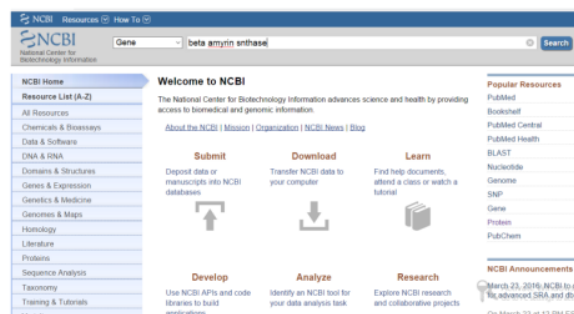
Makalah ini memuat deskripsi tahapan atau prosedur kerja dari metode yang dapat digunakan untuk menentukan jenis faktor transkripsi suatu gen. Pada makalah ini ¹³ fokus pada faktor transkripsi gen β -AS pada tanaman model *A. thaliana*. Oleh karena itu, **metode penelitian yang digunakan adalah studi kasus dengan pendekatan deskriptif kualitatif**. Informasi berupa tahapan kerja dari sebuah metode dideskripsikan berdasarkan hasil temuan selama melakukan analisis penentuan jenis faktor transkripsi gen β -AS. Tahapan kerja dideskripsikan dan diperjelas dengan beberapa gambar pendukung untuk memandu pembaca memahami maksud tahapan kerja tersebut.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Ada empat tahapan kerja yang dapat digunakan untuk menentukan jenis faktor transkripsi gen target. Keempat tahapan kerja tersebut yaitu menentukan sekuen gen target, menentukan sekuen promotor gen, menelusur jenis faktor transkripsi, dan menentukan faktor transkripsi berdasarkan beberapa kriteria. Adapun deskripsi keempat tahapan kerja tersebut adalah sebagai berikut

1. Menentukan sekuen gen target.

Pada tahap ini, sekuen gen target harus ditentukan dengan benar. Untuk memastikan bahwa gen target yang kita tentukan telah benar maka diperlukan studi pustaka dari hasil penelitian terdahulu. Setelah nama dan *Identity Gene* (ID *gene*) telah diketahui, tahapan berikutnya adalah membuka laman data base yang menyediakan informasi genom tanaman yang kita tuju. Misalnya kita buka laman NCBI dengan mengetikkan alamat berikut <http://www.ncbi.nlm.nih.gov> pada mesin pencari (*search engine*). Lalu kita pilih kategori pencarian *gene* dan ID *gene* atau nama gen target kita masukkan, sehingga nampak pada Gambar 1 berikut.



Gambar 1. Tampilan laman NCBI

Kemudian, kita pilih salah satu ¹⁶ spesies (tanaman model *A. thaliana*) yang memiliki sekuen gen target yaitu β -AS seperti pada gambar berikut ini.



Gene [Create alert](#) [Advanced](#)

Tabular ▾ 20 per page ▾ Sort by Relevance ▾ [Send to ▾](#)

Search results

Items: 1 to 20 of 236 << First < Prev Page 1 of 12 Next > Last >>

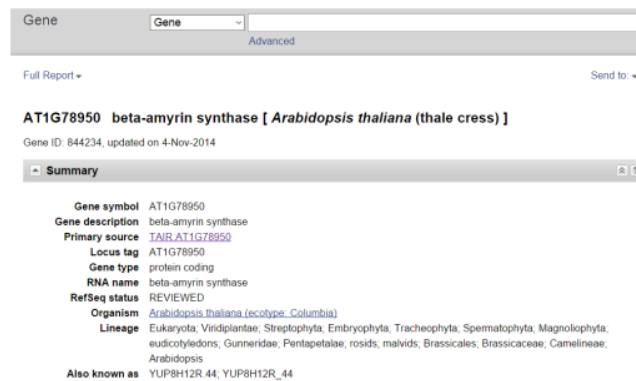
1 See also 12 discontinued or replaced items.

1 Showing results for **beta amyrin synthase**. Search instead for [beta amyrin synthase](#) (0)

Name/Gene ID	Description	Location	Aliases
☐ LOC104908690 ID: 104908690	beta-amyrin synthase-like [<i>Beta vulgaris</i> subsp. <i>vulgaris</i>]		BVRB_7g177990
☐ LOC104908747 ID: 104908747	beta-amyrin synthase-like [<i>Beta vulgaris</i> subsp. <i>vulgaris</i>]		BVRB_7g177970
☐ AT1G78950 ID: 844234	beta-amyrin synthase [<i>Arabidopsis thaliana</i> (thale cress)]	Chromosome 1, NC_003070.9 (29684432..29688673, complement)	AT1G78950, YUP8H12R_44, YUP8H12R_44
☐ OSC1 ID: 103443360	beta-amyrin synthase [<i>Malus domestica</i> (apple)]	Chromosome 9, NC_024247.1	

Gambar 2. Tampilan laman NCBI setelah ditentukan nama gen/ ID-nya

- Menentukan sekuen promotor gen target
Setelah salah satu organisme dipilih yaitu tanaman yang memiliki sekuen gen target, akan diperoleh tampilan laman sebagai berikut



Gene [Advanced](#)

[Full Report ▾](#) [Send to ▾](#)

AT1G78950 beta-amyrin synthase [*Arabidopsis thaliana* (thale cress)]

Gene ID: 844234, updated on 4-Nov-2014

Summary

Gene symbol	AT1G78950
Gene description	beta-amyrin synthase
Primary source	TAIR:AT1G78950
Locus tag	AT1G78950
Gene type	protein coding
RNA name	beta-amyrin synthase
RefSeq status	REVIEWED
Organism	Arabidopsis thaliana (ecotype: Columbia)
Lineage	Eukaryota, Viridiplantae, Streptophyta, Embryophyta, Tracheophyta, Spermatophyta, Magnoliophyta, eudicotyledons, Gunneridae, Pentapetales, rosids, malvids, Brassicales, Brassicaceae, Camelineae, Arabidopsis
Also known as	YUP8H12R_44, YUP8H12R_44

Gambar 3. Tampilan laman NCBI yang memuat nama gen, lokasi gen pada kromosom, kode gen, sumber informasi data base

Tampilan yang muncul pada layar komputer adalah kode gen, nama gen, nama ilmiah tanaman yang memiliki sekuen gen tersebut, sumber data base, tipe gen, dan beberapa informasi dasar lainnya tentang gen target. Tahap selanjutnya adalah mencari sekuen promotor dengan cara mengeklik satu kali *primary source* pada tampilan laman tersebut. setelah itu, akan diperoleh tampilan laman sebagai berikut.

Protein Data					
name	length(aa)	molecular weight	isoelectric point	domains(# of domains)	
AT1G78950.1	759	86952.6	6.7201	Terpene synthase, conserved site (IPR002365)(1) Prenyltransferase/squalene oxidase (IPR001330)(3) Squalene cyclase (IPR018333)(1) Terpenoid cyclases/protein prenyltransferase alpha-alpha toroid (IPR008930)(2)	

Map Locations					
chrom	map	map type	coordinates	orientation	attrib
1	AGI	nuc_sequence	29684432 - 29688673 bp	reverse	
1	YUPBH12R	assembly_unit	170941 - 175182 bp	forward	

Map Links					
name	type	polymorphism site	allele type		
AY200736	insertion	intron	unknown		
AY200737	insertion	intron	unknown		
FLAG_413802	insertion	exon	unknown		
GK-286B02-015494	insertion	exon	unknown		
GK-286B02-015496	insertion	exon	unknown		
GK-309E07-017072	insertion	exon	unknown		
GK-309E07-017093	insertion	intron	unknown		
ossowski_264094	substitution	intron	unknown		
ossowski_264096	substitution	intron	unknown		
ossowski_264097	substitution	coding_region	unknown		
ossowski_264099	substitution	coding_region	unknown		
ossowski_264101	substitution	promoter	unknown		
PERL0263385	substitution	intron	unknown		
PERL0263389	substitution	intron	unknown		
SALK_026433.25	insertion	intron	unknown		

Germplasm				
name	polymorphisms	background	stock name	select
SALK_026433	SALK_026433.25	15 x	SALK_026433	☐

Gambar 4. Tampilan laman NCBI yang terhubung dengan laman *TAIR*

Berdasarkan Gambar 4, diperoleh informasi bahwa sekuen gen target β -AS memiliki profil sekuen yang terdiri dari intro, ekson, *coding region*, dan promotor. Sekuen promotor gen target dapat kita ketahui dengan mengklik kode tautan yang sejajar dengan baris tulisan promotor. Setelah itu, akan diperoleh sekuen promotor gen target yang diharapkan. Adapun tampilan laman yang akan diperoleh tervisualisasi pada Gambar 5. Pada gambar tersebut akan diperoleh informasi sekuen promotor gen yang berjumlah dua sekuen yaitu *flank 1* dan 2.

Genes					
AT1G78950.1	AT1G78950	promoter	is an allele of		
Description Terpenoid cyclases family protein: CONTAINS InterPro DOMAIN/s: Terpene synthase, conserved site (InterPro:IPR002365), Squalene cyclase (InterPro:IPR018333), Terpenoid cyclases/protein prenyltransferase alpha-alpha toroid (InterPro:IPR008930), Prenyltransferase/squalene oxidase (InterPro:IPR001330); BEST Arabidopsis thaliana protein match is: camelliol C synthase 1 (TAIR:AT1G78955.1)					
Associated Loci					
AT1G78950					
Description					
Associated Polymorphisms					
Substitution	Species Variant (attribution)	Length	Polymorphic Sequence	Polymorphism Verified	
	Col-0	1 bp	C	yes	
	Bur-0	1 bp	G	yes	
Associated Nucleotide Sequences					
flank 1:					
AAATATGTGATAAGAAACACGACAAGAA					
Flanking Sequence					
flank 2:					
ATGTTACTTCTGGGATGATAGAGATTAA					
Map Locations					
chrom	map	map type	coordinates	orientation	attrib
1	AGI	nuc_sequence	29688803 - 29688803 bp	unknown	
1	YUPBH12R	assembly_unit	170811 - 170811 bp	reverse	

Gambar 5. Tampilan laman *TAIR* yang memuat sekuen promotor yaitu *flank 1* dan 2

- Menelusur jenis faktor transkripsi dari sekuen promotor gen target
 Pada tahap ini sekuen promotor yang diperoleh pada tahap sebelumnya dapat disimpan dalam bentuk *notepad* atau dapat langsung disalin untuk digunakan. Tahap ini dimulai dengan membuka laman program *tfbind* secara *on line*. Adapun teknisnya dengan mengetikkan *tfbind* pada *search engine*, sehingga akan diperoleh tampilan sebagai berikut.



Gambar 6. Tampilan program *tfbind* yang dilakukan secara on line

Setelah mendapatkan tampilan program tersebut, masukkan sekuen promotor yang telah diperoleh dalam bentuk *fasta*. Bentuk format ini dapat langsung dibuat pada kotak program *tfbind* yang telah tersedia. Teknisnya dengan mengetikkan tanda > (spasi) lalu ketik nama file/ tugas. Contohnya: > coba1 . Kemudian *enter* satu kali baru diketikkan salinan sekuen promotornya. Tahap berikutnya meng-klik kata *submit*. Sehingga akan diperoleh tampilan sebagai mana tersaji pada Gambar 7.

AC ID	Score	Loc.	Str.	Consensus	Sequence	Signal	Sequence
M00045	VSE4BP4_01	0.813563	1	(+)	NRTTAYGTAAYN	AAATATGTGATA	
M00076	VSGATA2_01	0.794768	1	(-)	NNNGATRNNN	AAATATGTGA	
M00123	VSMYCMAX_02	0.818230	1	(-)	NANCACGTGNNW	AAATATGTGATA	
M00162	VSOCT1_06	0.834375	1	(+)	CWNAWTKWATRYN	AAATATGTGATAAG	
M00078	VSEVII_01	0.745675	3	(+)	WGAYAAGATAAGATAA	ATATGTGATAAGAAAA	
M00080	VSEVII_03	0.715638	3	(+)	AGATAAGATAA	ATATGTGATAA	
M00082	VSEVII_05	0.771806	3	(+)	AGATAAGATAN	ATATGTGATAA	
M00126	VSGATA1_02	0.830938	4	(+)	NNNNNGATANKGNN	TATGTGATAAGAAAA	
M00159	VSCBEP_01	0.899838	4	(+)	NNTKTGGWNANNN	TATGTGATAAGAA	
M00128	VSGATA1_04	0.931066	5	(+)	NNCWGATARNNNN	ATGTGATAAGAAAA	
M00075	VSGATA1_01	0.827246	6	(+)	NNNGATNNNN	TGTGATAAGA	
M00076	VSGATA2_01	0.852954	6	(+)	NNNGATRNNN	TGTGATAAGA	
M00271	VAMLI_01	0.850984	6	(+)	TGTGGT	TGTGAT	
M00077	VSGATA3_01	0.913159	7	(+)	NNGATARNNG	GTGATAAGA	
M00109	VSCBEPB_01	0.839525	7	(+)	RNRKNNNGMAAKNN	GTGATAAGAAAAACA	
M00278	VSLMOZCOM_02	0.882075	7	(+)	NMGATANSNG	GTGATAAGA	
M00078	VSEVII_01	0.744420	8	(+)	WGAYAAGATAAGATAA	TGATAAGAAAAACACCG	
M00079	VSEVII_02	0.886281	8	(+)	AGAYAAGATAA	TGATAAGAAAA	
M00080	VSEVII_03	0.870165	8	(+)	AGATAAGATAA	TGATAAGAAAA	
M00082	VSEVII_05	0.915760	8	(+)	AGATAAGATAN	TGATAAGAAAA	
M00203	VSGATA_C	0.957130	8	(-)	NGATAAGNMNN	TGATAAGAAAA	
M00223	VSTAT_01	0.843459	8	(-)	TTCCCRKAA	TGATAAGAA	

Gambar 7. Tampilan *out put* program *tfbind*

4. Memetakan jenis faktor transkripsi dengan data base lainnya.

Setelah diperoleh tampilan program seperti Gambar 7 tersebut, tahap selanjutnya adalah merekapitulasi dan melakukan pemeringkatan jenis faktor transkripsi yang memiliki nilai/ *score* interaksi dengan sekuen promotor. Misalnya *GATA*, *SRY*, *MYB*, *OCT*, *GATA3*, *EVI* dengan nilai secara berurutan 0,9556; 0,9501; 0,8831; 0,8114; 0,8103; dan 0,7206. Selain itu, juga dapat dipetakan kembali apakah data faktor transkripsi yang telah diperoleh sudah sesuai dengan data base lainnya, misal apakah faktor transkripsi *GATA* dan *SRY* juga dapat mengkode biosintesis saponin atau tidak. Selain itu, juga dapat ditinjau dari aspek lainnya.

PENUTUP

Berdasarkan uraian di atas dapat disimpulkan bahwa metode untuk menentukan jenis faktor transkripsi gen pada sebuah tanaman model terdiri dari empat tahap. Keempat tahapan kerja tersebut yaitu menentukan sekuen gen β -AS dan arah transkripsinya, menentukan sekuen promotor dari sekuen CDS, menelusur jenis FT dengan program *tfind* dan menentukan FT dengan nilai interaksi tertinggi, memetakan FT terpilih dengan data base pada *PlantFTDB*. Pendekatan in silico tersebut dapat digunakan untuk kepentingan analisis laboratorium berikutnya.

FTAR PUSTAKA

- Finkler A, Padan RA, Fromm H. 2007. CAMTAs: Calmodulin-binding Transkription Activators form Plants to Human. *FEBS Letters*. 581: 3893-3898.
- Irawan B. 2012. *Genetika Molekuler*. Surabaya: Airlangga University Press.
- Kuch S, Ahmadinejad N, panstruga R, Kuhn H. 2014. In Silico Analysis of The Core Signaling Proteome from The Barley Powdery Mildew Pathogen (*Blumeria graminis* f.sp. hordei). *BMC Geneomics*. 15: 1-15.
- Lerman JA, Hayduke DR, Hatif H, Portnoy VA, Lewis NE, Orth JD, Schrimpe-Rutledge AC, Smith RD, Adkins JN, Zengler K, Palsson BO. 2012. In Silico Method for Modeling Metabolism and Gene Product Expression at Genome Scale. *Nature Communication*. 3: 1-10.
- Lindvall, J., Blomberg, K.E.M., dan Smith, C.I.E. 2003. In Silico Tools for Signal Transduction Research. *Briefing in Bioinformatics*. 4 (4): 315 – 324.
- Luo H, Sun C, Sun Y, Wu Q, Li Y, Song J, Niu Y, Cheng X, Xu h, li C, Liu j, Steinmetz A, Chen S. 2011. Analysis of The Transcriptome of *Panax notoginseng* Root Uncovers Putative Triterpene Saponin-Biosynthesis Genes and Genetic Markers. *BMC Genomics*. 12: 1-15.
- Huang GT, Ma Sl, Bai LP, Zhang L, Ma H, Jia P, Liu J, Zhong M, Guo ZF. 2012. Signal Transduction during Cold, Salt, and Drought Stresses. *Mol Bio Rep*. 39: 969-987.
- Nasrollahi V, Mirzaie-asl A, Piri K, Nazeri S, Mehrabi R. 2014. The Effect of Drought Stress on The Expression of Key Genes Involved in The Biosynthesis of Triterpenoid Saponins in Liquorice (*Glycyrrhiza glabra*). *Phytochemistry*. 103: 2-37.
- Palson, B. 2000. The Challenges on In Silico Biology: Moving from a Reductionist paradigm to one that Views Cells as a System will Necessitate Changes in Both the Culture and the Practice of Research. *Nature Biology*. 18: 1147 – 1150.
- Reddy ASN, Ali GS, Celesnik H, Day IS. 2011. Coping Stresses: Roles of Calcium-and Calckium/Calmodulin-Regulated Gene Expression. *The Plant Cell*. 23: 2010-2032.
- Santoso AM, Amin M, Sumitro SB, Lukiati B. 2016. *Identifikasi Ragam Faktor Transkripsi Gen β -AS yang Terlibat dalam Biosintesis Saponin*. Prosiding Seminar Nasional Biologi dan Pembelajaran di Universitas Negeri Surabaya, 29 Februari 2016

METODE UNTUK MENENTUKAN JENIS FAKTOR TRANSKRIPSI (FT) PADA GEN PENYANDI ENZIM β -AMYRIN SYNTHASE BERBASIS KAJIAN IN SILICO: STUDI KASUS PADA TANAMAN MODEL

ORIGINALITY REPORT

16%

SIMILARITY INDEX

PRIMARY SOURCES

1	vjs.ac.vn Internet	46 words — 2%
2	Wei Xie, Zhipeng Hao, Xiaofu Zhou, Xuelian Jiang, Lijiao Xu, Songlin Wu, Aihua Zhao, Xin Zhang, Baodong Chen. "Arbuscular mycorrhiza facilitates the accumulation of glycyrrhizin and liquiritin in <i>Glycyrrhiza uralensis</i> under drought stress", <i>Mycorrhiza</i> , 2018 Crossref	39 words — 2%
3	www.cs.tau.ac.il Internet	34 words — 1%
4	www.geneticsmr.com Internet	32 words — 1%
5	www.nrcresearchpress.com Internet	32 words — 1%
6	www.zora.uzh.ch Internet	29 words — 1%
7	lp2m.unpkediri.ac.id Internet	27 words — 1%

8	Pasqualini, S., L. Reale, O. Calderini, R. Pagiotti, and L. Ederli. "Involvement of protein kinases and calcium in the * NO-signalling cascade for defence-gene induction in ozonated tobacco plants", Journal of Experimental Botany, 2012. Crossref	25 words — 1%
9	repository.its.ac.id Internet	20 words — 1%
10	dro.dur.ac.uk Internet	18 words — 1%
11	smartbio.org Internet	17 words — 1%
12	Melanie Boerries, Roland Eils, Hauke Busch. "Systems Biology", Wiley, 2011 Crossref	13 words — 1%
13	repository.unair.ac.id Internet	11 words — < 1%
14	pt.scribd.com Internet	8 words — < 1%
15	positori.uin-alaudidin.ac.id Internet	8 words — < 1%
16	sonysugiarto.wordpress.com Internet	8 words — < 1%
17	tedas.id Internet	8 words — < 1%
18	"Pharmacogenomics", Wiley, 2002 Crossref	6 words — < 1%

EXCLUDE QUOTES OFF
EXCLUDE BIBLIOGRAPHY OFF

EXCLUDE MATCHES OFF